

FIGURE 3

1 H-GSTVPODLLLPVGLLEAAVGIYPSQVIGLVPHLQDRE--DER1
 1 APVAVVAALAVOELHAAAHAPAAOVA---FTF--DER2
 1 GAGATGRAND--GPRLLGLVSLGGAKE-ACE--DER
 1 R-RPR-ASSPCGAAVGPVGLGSSSTVVASQPQVDF--LHR
 1 LGLIHT--LLPGLVTSV-ARSSKSVHAQVTDHNSKGLFAS
 1 ---ARHP--HMGVGLTAVGSS-ATPAPKSCF--C27
 1 RRVV--HAAAGGLFFHARRA--FQO--C20
 1 NVRLPL-Q--CVL-WGGF--TAVHPE--C40
 1 GGN--SCYHIVATAVH--FER--4-IB
 1 CVGA--RRLG--RGPCAAALGLGLSTVTLNHCV--C40
 1 KSV-LVLYI--GFSSCIIINGRDAAP--YTF--V22
 1 KKS--YILL--LLLSGLIINSITE--HEB--CHB
 1 HRAJE--GPGHSGGGLVGLVPAKPP--VFA--DER-6a
 1 HRAHE--GPGHSGGGLVGLVPAKPP--VFA--DER-6b

39 --KRDSVCQOOKYIH--POHNSICCTKHKKTLYLYNDGPPQ DER1
 32 --Y-APEPGSTCLREYYDQTAQHCCSCSEQQHAKVFC--DER2
 31 --T-----GLYTHSGE-CKACULCEGUAQPCGAHHR
 30 --YRIENOGCHDQKEYEPHNDVCCERRPPQEEVFAVC--LHR
 29 ELKKTVTAVETOHLEGLHNDGQFHKPKPBERQERKARDCQTVFAS
 28 --E-----RHYHAQCKKCCQMCBQOTELVKBDDQ C27
 27 DRPFEDACHGHPSHYDKAVHRCCEYRCNOLHPTQQCPQ C20
 26 --TACRE--KOYL--INSQGBLCEQCKLVSDC--C40
 25 --TESLOOP-----CENCBATFE--CDH 4-IB
 24 --G-----DTPPSNDR--CCUECPQNGVSHCSR C40
 23 PHCKCKDTEYKRHH--LCCCLSCPPOTVASSRLCDS V22
 22 --SHQCKCKDHEYKRHH--KCCCLSCBBDVYASSRLCDS CHB
 21 --VRQVAETPTYPWRDA-ETQERLVCAQCPPTQVQPC--DER-6a
 20 --VRQVAETPTYPWRDA-ETQERLVCAQCPPTQVQPC--DER-6b

78 P-GQDQVDCR-ECESGS-FIASENHILRNQIESK-CRKEH DER1
 77 TKTSQAVVC-DSC-EDSVVAVQLNHWVFECLBCCGSRSCSDQV DER2
 76 HQ-T-V-CE-PC-LDSVAVFSVVSATPEPKPC-ECVGLDS HFR
 75 ERSQDTPVC-KTC-PHNSVNEHNLHSTCOLCRP-CTIVLQ LHR
 74 HGDEPDCV-PCQEGKEVTKAHFSSKRRRL-CEEGH FAS
 73 HKA-AQD-PCIEGVFSFSP--C27
 72 R--PDCRKOC-EDDYLLDEADRCTACVTS--RDD C20
 71 TEFTEPEC-LPC-GESEFLTHHRETHCHOKY-CPMLQ C40
 70 HENQ--IC-SPC-PHNSFSSA-GQRTCDICR-QC--K4 4-IB
 69 EONT-V-CR-PC-GEQFYHVVSSK-PCKPCT-NC-NLRS C40
 68 KTNQ--OC-TPC-OSGTFJ3RHHLPACBECNORCHSV V22
 67 KTNQ--OC-TPC-ASDQFTSRHHHDEACBECNORCHSV CHB
 66 RHDSPPTC-GPC-PERNHPTQFNVYDERGVCHVLCGEREE DER-6a
 65 RHDSPPTC-GPC-PERNHPTQFNVYDERGVCHVLCGEREE DER-6b

FIGURE 3 (continued)

111 - QVEIESCTVDRDTCVCGCHKHUVHMYSEHLEFCFFHSSL-TFRU
106 - ECTQA-CTREQNHICTCPGWVCAALSKQE--CCRLCAPL-TFR2
95 HSAP--CWEADDAVCRGAYGVN-QDETTG--RQECARV-NER
110 FEEVAP-CTSDRKAECCHCQCHSCVYLDNE--LVHCEEEIHR
111 LEVEIN-CTRTQHTKCHCRH--FPCN--FNS
74 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
92 LVEKTP-CAWSSRUCFCEPCNFCSTSAVH--SCARCFH-CD0
71 LRVQOK-CTSETDTICTCECHNCCT--SEA--CESULH-CD0
70 VFRTEKECTSSHAECDTCECHNCCT--SEA--CESULH-CD0
92 QSRKQL-CTATQDTVCRG--CA--CESHEEQD-4-IB
95 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
96 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
101 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
101 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --

149 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
144 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
128 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
146 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
117 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
129 SV-- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
121 R-- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
106 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
110 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
111 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
111 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
130 A-- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
130 A-- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --

178 EVSCSNCCK-- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
178 ICRPHOICNVVA-- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
163 PCUPCTVCEDTERO-LRECTRWADAEC--EEIPEGRMITRS-NER
186 RCOPRTTRCEIQGLVEAAPGTSTYEDTICKHPPEPAGALL--IHR
142 HCECTKCE-- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
111 OCHD-KECT-- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
165 HCKEPSSGHIPO-AKPTFVSPATSSASTHPVRGOTRLAQE-CD0
160 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
160 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
161 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
161 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
167 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --
141 -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- -- --

FIGURE 3 (continued)

```

198 -----QIENVKOTEDSGTTVLPLPLVIFQ-L-----DFRI
202 GAVHLPQPVSTASQHTQPTPEPSTAPSTFLLPHQPSPPA DFR2
200 TPPEGEDSTAPSTQEPEAPQDLIAST-----VAGVVTTV HER
204 LAILL-----LTSNTKCKEESRSL-----GWL-----FS
199 -----ARSEQALSPHPQTHLPVSEHLEAR-----TAGHHQTL QD7
201 AASKLTRAPDSPSSVGRPSDDPQLSPTOP-----CPEGSGDCR QD0
194 ALVVIP-----OD0
164 DLSFGASSVTPPAPAREPGHSPQIIS-----4-IB
169 -----RPPATQPOETQOPP-----GK40
200 -----OLSESILT-----SELTITHNHTDCN VC2
200 -----GLSESIST-----SELTITHNHKDCD QNB
196 -----CTOF-----PLSTRVPG DFR-6a
143 -----DER-6b

```

```

223 -----CLLSCLFIQILNY-----DFRI
252 -----EGSTGDFAL-----PGLIVGTALGLLIQVV DFR2
236 -----HGSSQPVVTRGTTDNLIPVCSILAANVGLVA-----HER
230 -----L-----VLFLLFTTVLACAMHRNPS HER
178 -----L-----CLL-LPIPLIV-----FS
164 AD-----QD7
202 KQCEPDYLLDEAGRCTACVSCSRDD-----VEKTPCAHNSRTC QD0
200 -----I-----IFGIFAILLVLFVFKK-----QD0
190 -----FFL-----4-IB
181 -----ARPITVQTEA-----GK40
221 PVFNEEY-----FSVHNKVATSOFFTGENR VC2
20 AECEER-----FSVHEVATSGFFTOQNR QNB
143 -----AVI DFR-6a
143 -----DER-6b

```

```

215 -----RYQRW-SKLYSI-----VCOKSTPEKEGELEGT DFR1
200 HCV-----INTQVK-KPLC-----DFR2
269 -----YIAFKRWHSCKQ-----HER
250 LCR-----KLGTLRHH-----HUR
189 -----MVHRKEVQK-----TCRKHAKENQGSNE-----FS
166 -----FRO-----QD7
202 ECRPGHICATSATNSCARCVYPICAAETVTKPDHAEKD QD0
193 -----VAKK-----QD0
195 -----WP-R-----4-IB
246 -----YONIS-W-VCT-----GK40
246 -----YONIS-W-VCT-----VC2
217 DFV-AFQDISIKR-----QNB
143 -----DER-6a
143 -----DER-6b

```

FIGURE 3 (continued)

264 TKPLAHPHPSFSETPGFTTTLGFSPTMSSTFTSSSTYTTPQD TERU
294 --- LQREARVPNLPADKARSTQOPEQONLLITA-- TERQ
281 --- HKQAMSRPV-NQTPPEGEKLMDSGIVSD IHR
262 --- PEGEESPCEA-PRADPIFPDLAEP LL --- IHR
212 --- SPTLHEE--TVAIHLSDVLSKYITT-- FNS
169 --- --- --- --- --- LP QD7
322 TTFEAPPLCQEDCNPTDE-NOEAPASTPTQSLVDSQA QD0
222 --- PHKAPHKOE-PQ-EIHFPD--- QD0
191 --- --- --- --- --- 4-1H8
198 --- TSQGPSTRV-E--VHQRAVAAILGLQL- QD0
255 --- LHFETMCHN---KGS--SFKQ-- LTK-- VC22
255 --- LHFETMCHN---KGSYSKQ-- LTK-- QHB
229 --- LORLLOALEAPDE-GM--QD
143 --- --- --- --- --- T-- TER-6a
--- --- --- --- --- A-- TER-6b

304 CPNFAAARRREVAPPYQGRDPI LATA-- TERU
324 --- SSSSSSSSESSAAL-- --- TERQ
311 SGLNDQOPHTQTASGQALK-- GQGLYSSLPKAKREE IHR
268 --- SHSODLSPSPAGPPT-- --- IHR
216 --- --- --- --- --- FNS
171 ARTLSTHPPORSICSDFI-- RLVIFSQHFLVFTLA QD7
361 SKTLPIETSAVPVASTGKPVLDAGPVLFVILVLVVVG QD0
241 --- --- --- --- --- QD0
191 --- --- --- --- --- LFFLTFRFSVVKR 4-1H8
224 --- --- --- --- --- GPLAILLALYLRLRDQ QD0
214 --- AKHDDG-H-- --- VC22
216 --- TKHDDSI-- --- QHB
246 --- BRAGRAAAQLK-- L-- TER-6a
151 --- BRSG-- --- TER-6b

329 --- LASDPIPHPLQKMWEDSAHKQSLDTPATLYAVVE TERU
339 --- DRRAPTRHQPAQGVESQAGEARASTOSSDS TERQ
347 VEKLL-- --- --- --- HOS IHR
301 --- APSLEEVVLQOOSPL-- --- VQAREL-- EAE IHR
240 --- HTLSQV-- --- --- FNS
207 GALL-- --- --- --- HQ QD7
401 SSFLLCHRRACRKRIROKHLCPVQTSQPKLELVDSRP QD0
2524 --- QETL-- --- --- QD0
216 GRKKLL-- --- --- 4-1H8
245 --- --- --- --- QD0
281 --- HSHSETVTLAGDCLSSVDIYILYSNTH VC22
284 --- NPISESVTLVGDCCLSSVDIYILYSNTH QHB
258 --- RRLTELLGAQDQALLVRLLOALR-- --- TER-6a
155 --- --- --- --- --- TER-6b

FIGURE 3 (continued)

365 NVPPPLRHKKEFVRRRLGLSDHEIDRLDLQHQRCLEAQYSHL TFR1
 372 PGHGTQVHTCIVNVCSSDH--SSQCSSQASTHGDT-- TFR2
 388 355 AGDTWRHLGPEYHIEFTHEACPVR-- --ALLKER
 377 PGEHQVANGHANGHUTGOSVTVTGHYIYHGPVLGQT-- LHR
 246 -- --KGFVRKHGCHNEAKIDEIKNDHVQDTAEQVQLL FNS
 214 -- --RRKYSRSHKESPEPEPCRYSCPR-- --CQ2
 411 RRSTQLRSQASTEPVAEERGLHSQPLHETCHSVGAAYL CQ0
 255 -- --HCCQPV-- -- --CQ0
 222 -- --RLPPD-AHKPPGGSF-- --4-HB
 245 -- --AODYETDTISYRUGVLDDBHHPGSCNHNK-- --CQ0
 308 -- --TQDYETDTISYHUGVLDDBHHPGSCNHNK-- --CQ2
 311 -- --TQDYETDTISYHUGVLDDBHHPGSCNHNK-- --CHB
 202 -- --WARRHPQLER-- --TFR-6a
 155 -- --GARRCGRGQ-- --TFR-6b
 405 ATNRRTPREATLELLORVLRDHDLLGC-- --TFR1
 388 355 ASHATQDSATLDA-- --QVFFSKECAF-- --TFR2
 365 -- --RGPGDP-PAPP-- --EPYPTPEEGA-- --LHR
 279 RHHNQLHGKKEA-YDTLIKDLKKANL--CTLAEKIQ-- --FNS
 239 -- --EEGSTI-- -- --CQ2
 481 ESLPLQDASPAGU-PSSPRDLPEPRAVSTENTHNKIEKIYI CQ0
 261 -- -- -- --CQ0
 222 -- -- -- --YI 4-HB
 200 -- -- -- --CQ0
 339 -- -- -- --PITHSK-- --CQ2
 312 -- -- -- --LITHNSQY-- --CHB
 291 -- -- -- --TFR-6a
 160 -- -- -- --TFR-6b
 431 -- --LEDIEEALCUPAALP-- --TFR1
 411 -- -- -- --RSQLETPETLLQSTEEK TFR2
 401 -- -- -- --LLAALRAIQRAD LHR
 386 -- -- -- --PGSELSTPYQEDGKAN LHR
 312 -- --TILKIDITSQ-SENSHFR-- --FNS
 246 -- -- -- --P CQ2
 520 HKADTVIVGTAKELPEGRGLAGPAPELEEELEADHTPH CQ0
 260 -- -- -- --QEDQKES CQ0
 224 203 -- -- -- --OPFHRPVQTT 4-HB
 260 -- -- -- --RTP CQ0
 345 -- -- -- --PTRF-- --CQ2
 351 -- -- -- --PTHF-- --CHB
 291 -- -- -- --SVRER TFR-6a
 160 -- -- -- --VAQPS TFR-6b

FIGURE 3 (continued)

449	- - - - -	PAPSLLR
448	P - - - -	TFRQ
443	- - - - -	TFRQ
413	LVESLCSSES	- TATSPV
401	II - - - -	IHR
329	- - - - -	FAS
247	I QED - YRKP -	HEIQSLV
560	Y P E Q E T E P P L G S C D V N L S V E E E K E D P L T A A S O K	CWJ
270	R - - - -	CD300
236	Q E E D G C - - - -	G300
261	I Q E E Q A D H - - - -	4-IH
349	- - - - -	OK40
355	- - - - -	WZ2
	- - - - -	GRB
296	F - - - -	TFR-6A
168	L - - - -	TFR-6D
	- - - - -	A P